
POSUDEK NA HABILITAČNÍ PRÁCI

Habilitant: **RNDr. Robin Kundrata, Ph.D.**

Název práce: **Fylogeneze, klasifikace a diverzita Elateriformia (Insecta: Coleoptera) se zaměřením na čeleď Elateridae a tribus Drilini**

Oponent práce: doc. RNDr. Jan Ševčík, Ph.D.

Předložená habilitační práce Dr. Kundraty je tvořena 13 samostatnými publikačními výstupy, z nichž u většiny je uchazeč prvním nebo korespondenčním autorem. Z těchto publikací je 10 v časopisech s oborovým rankingem Q1 nebo Q2 podle WoS. Ve skutečnosti je ale publikační profil habilitanta mnohem bohatší. Ke dni 14. 6. 2019 má dr. Kundrata v databázi WoS celkem 48 záznamů, které jsou 386x citovány (179x bez autorových autocitací), Hirschův index 10. V rámci oborů systematická zoologie a entomologie jsou tyto hodnoty samy o sobě vynikající a dokládají skutečnou publikační vyspělost a mimořádnou píli uchazeče, zejména za situace, kdy v jeho případě uplynulo jen přibližně 6 let od získání titulu Ph.D. Vysoce hodnotím také fakt, že u naprosté většiny svých publikací je dr. Kundrata prvním, korespondenčním nebo jediným autorem, což svědčí o vysoké míře jeho odborné erudice a samostatnosti.

V rámci svého odborného růstu habilitant prokázal vysoké nasazení a kompetenci hned v několika rozdílných oblastech svého výzkumu. Počínaje fyzicky a časově náročnou prací v terénu, přes nesnadnou a zdlouhavou práci v molekulárně fylogenetické laboratoři, až po následné bioinformatické zpracování získaných sekvencí s pomocí moderních fylogenetických programů. To vše vyžaduje nejen odpovídající intelektuální schopnosti, ale také trpělivost a značnou míru manuální zručnosti.

Publikace předložené v rámci habilitační práce zahrnují jak problematiku klasické taxonomie, tak i obecnější zoogeografické, fylogenetické a evolučně biologické otázky. Vzhledem k tomu, že jednotlivé publikované články zahrnuté do habilitační práce již prošly oponentským řízením v redakcích příslušných časopisů, zaměřím své následující komentáře především na uchazečův souhrnný úvodní text.

V úvodních odstavcích autor komentuje podíl brouků na druhové diverzitě hmyzu a organismů celkově. V této části mimo jiné postrádám citace prací, které za nejpočetnější skupinu hmyzu považují řád Diptera (např. Hebert et al. 2016: *Phil. Trans. R. Soc. B*, Borkent et al. 2018: *Zootaxa*). Mezi okolnostmi vysokého počtu popsanych druhů chybí zmínka o vysoké atraktivitě brouků mezi sběrateli, což mělo nepochybně vliv na počet nově popsanych druhů, zejména ve srovnání s řády Diptera a Hymenoptera. Navíc některé zde citované zdroje jsou v kontextu diskuse o aktuálním počtu popsanych druhů již nejspíš zastaralé (např. Grimaldi & Engel 2005, Grove & Stork 2000, Foottit & Adler 2009).

Mezi nejvýznamnější taxonomické objevy uchazeče lze beze sporu zařadit popis a fylogenetické zařazení nové čeledi brouků pro vědu. K takovým objevům dochází ve 21. století již velmi zřídka. Kromě toho zaznamenal a popsal mnohé další nové druhy a rody pro vědu. Každý z těchto taxonů je odpovídajícím způsobem popsán a pečlivě ilustrován.

Fylogenetické analýzy jsou založeny na úctyhodném počtu terminálních taxonů, čítajících i více než 500 druhů z většiny zoogeografických oblastí. Použitá metodika multigenové analýzy je postavena na prověřených a tradičních genových markerech, v kombinaci s moderními metodami zpracování DNA sekvencí. Autorem získané fylogenetické stromy mají zpravidla vyšší podpory u koncových větvení než u větvení hlubších, což je pro multigenové fylogenetické analýzy v rámci jednotlivých čeledí hmyzu typické.

Celá úvodní část je zpracována velmi pečlivě a přehledně, bez věcných i formálních chyb. Z drobných formálních nedostatků je možné zmínit např. nezahrnutí práce Stork et al. 2015 do seznamu literatury.

Dotazy a náměty do diskuse:

- Často diskutovanou otázkou je volba vhodných genových markerů u multigenových studií. Autorovy fylogenetické rekonstrukce jsou většinou postaveny na několika prověřených genových markerech (4 geny pro ribozomální RNA + vybrané úseky mitochondriálních genů). Může autor okomentovat výběr právě těchto genů? Vedly k jejich výběru pouze pragmatické důvody (snadnost amplifikace, tradice a možnost srovnání) nebo je o nich známo, že při rekonstrukci fylogeneze dané

skupiny poskytují lepší výsledky než jiné, např. protein-kódující jaderné geny, které jsou naopak i jiných skupin hmyzu v poslední době široce využívány?

- Prováděl autor saturační analýzu vybraných genů? Pokusil se o rekonstrukci stromů např. bez třetích, příp. i prvních kodónových pozic u protein kódujících genů?
- Proč autor nezahrnul do své habilitační práce také svůj prvoautorský a druhý nejcitovanější článek v prestižním časopise *Molecular Phylogenetics and Evolution*?
- Věnuje se autor také analýze transkriptomů a genomů příslušných taxonů? Kde vidí hlavní výhody a nevýhody fylogenomických metod?
- Jak vidí uchazeč budoucnost tradiční taxonomie a fylogenetiky v kontextu nové metodiky hodnocení výzkumných organizací (Metodiky 17+) a celkově zvyšujícího se důrazu na kvalitu publikací místo kvantity (měřeno citačním rankingem příslušných časopisů)?

Závěr:

Uchazeč v předložené habilitační práci jednoznačně prokázal, že je schopen samostatně vědecky pracovat a publikovat výsledky svých vědeckých studií v kvalitních mezinárodních časopisech. Práce plně odpovídá a v mnoha ohledech i převyšuje běžnou úroveň habilitačních prací v tradičních zoologických a entomologických oborech. **Doporučuji tedy autorovi této práce RNDr. Robinu Kundratovi, Ph.D. udělit akademicko-vědecký titul docent.**

V Ostravě dne 14. 6. 2019

doc. RNDr. Jan Ševčík, Ph.D.

Katedra biologie a ekologie PřF OU

Chittussiho 10

710 00 Ostrava – Slezská Ostrava